

RESUMEN

Autor Macuri Núñez, E.R.
Autor corporativo Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima (Peru). Facultad de Agronomía
Título **Estudio de la diversidad fenotípica del maíz (*Zea mays L.*) en la sierra baja y media del Perú**
Impreso Lima : UNALM, 2016

Copias	Ubicación	Código	Estado
Sala Tesis		<u>F30. M32 - T</u>	USO EN SALA
Descripción 98 p. : 24 fig., 11 cuadros, 63 ref. Incluye CD ROM			
Tesis Tesis (Ing Agr)			
Bibliografía Facultad : Agronomía			
Sumario Sumarios (En, Es)			
Materia <u>JUNIN (DPTO)</u> <u>JAUJA (PROV)</u> <u>IRD SIERRA</u> <u>FUNDO YANAMUCLO</u> <u>PERU</u> <u>EVALUACION</u> <u>ZONA DE MONTAÑA</u> <u>ZEA MAYS</u> <u>RECURSOS GENETICOS</u> <u>BIODIVERSIDAD</u> <u>ANATOMIA DE LA PLANTA</u> <u>FENOTIPOS</u> <u>GERMOPLASMA</u> <u>PARAMETROS GENETICOS</u> <u>CARACTERISTICAS AGRONOMICAS</u> <u>MANEJO DEL CULTIVO</u> <u>EXPERIMENTACION EN CAMPO</u>			
Nº estndar PE2016000235 B / M EUVZ F30; F01			

El presente trabajo de investigación se realizó en el campo experimental del fundo San Juan de Yanamucllo (IRD-Sierra; Jauja, Junín) de la UNALM, situado a 3,322 m.s.n.m. El material genético estuvo constituido por 335 accesiones de maíz de la sierra baja y media del Perú. Los objetivos fueron caracterizar morfológicamente el material en estudio, estimar la variabilidad de la muestra y determinar los caracteres más útiles para clasificar a las accesiones en grupos. Se seleccionaron 14 caracteres morfológicos del manual de descriptores del CIMMYT (9 cuantitativos y 5 cualitativos). El análisis estadístico de los datos se basó haciendo uso del Análisis de Componentes Principales (ACP) y el Análisis de Conglomerados, ayudándonos para tal fin del programa estadístico NTSYS versión 2.1. El ACP permitió identificar los caracteres que establecieron mejor las semejanzas entre los individuos: días a la floración femenina, días a la floración masculina, peso de cada grano, número de granos por hilera, número de hileras por mazorca, sanidad de las mazorcas, color de granos, color de la tusa, altura de planta, altura de mazorca, longitud de mazorca y textura del grano; éstos estuvieron asociados a los 6 primeros componentes principales, los cuales explicaron el 75.5% de la variación fenotípica existente. Los 6 componentes constituyeron las variables sobre las cuales se realizó el Análisis de Conglomerados. El dendograma obtenido por el método UPGMA permitió clasificar las accesiones en 55 grupos a una distancia taxonómica de 2,7. La variabilidad de la muestra del germoplasma se determinó de acuerdo al tipo de mazorca que presentó cada accesión encontrándose 22 razas típicas de maíz y la presencia de cruzamientos (X), mezclas (M) y similaridad (S) entre razas.

ABSTRACT

This research was conducted at the experimental field of the farm “San Juan de Yanamucllo” (IRD-Sierra, Jauja, Junin) belonging to UNALM, located to 3,322 meters above sea level. The genetic material consisted of 335 accessions of maize from the low mountains and half of Peru. The objectives were morphologically characterize the material under study, estimate the variability of the sample and determine the most useful traits to classify accessions in groups. Were selected 14 morphological characters from the descriptors manual of CIMMYT (9 quantitative and 5 qualitative). Statistical analysis of the data was based using Principal Component Analysis (PCA) and Cluster Analysis, helping to this end the Statistical Programme NTSYS version 2.1. The ACP identified the characters better established similarities between individuals: days to silking, days to male flowering, each grain weight, number of kernels per row, number of rows per ear, health cobs, color grain, rachis color, plant height, ear height, ear length and grain texture; they were associated with the first 6 principal components, which accounted for 75.5% of the existing phenotypic variation. The 6 components constituted the variables on which the Cluster Analysis was performed. The dendrogram obtained by the UPGMA method allowed classify accessions in 55 groups at a taxonomic distance of 2.7. The sampling variability

of germplasm was determined according to the type of cob presented each accession finding 22 typical races of maize and the presence of crosses (X), mixtures (M) and similarity (S) between races.